

Sequence Information.

Sequence ID No. 1: ATR seq

1 GCGCTCTTCGGCAGCGGTACGTTTGGAGACGCCGGAACCCGCGTTGGCGTGGTTGACTAGTGCCTCGCAGCCT 75
5 76 CAGCATGGGGGAACATGGCCTGGAGCTGGCTTCCATGATCCCCGCCCTGCGGGAGCTGGGCAGTGGCACACCAGA 150
151 GGAATATAATACAGTTGTACAGAAGCCAAGACAAATTCTGTGTCAATTCATTGACCGGATACTTACAGATGTAAA 225
226 TGTGTGTGCTGTAGAACTTGTAAAGAAAAGTACTCTCAGCCAACCTCCGTGATGTTGCTTGATTTTCATCCAGCA 300
301 TATCATGAAATCCTCCCACTTATGTTTGTAAATGTGAGTGGAAAGCCATGAGCGCAAAGGCAGTTGTATTGAATT 375
376 CAGTAATTGGATCATAACGAGACTTCTGCGGATTGCAGCACTCCCTCCTGTCATTTGTTACACAAGAAAATCTG 450
451 TGAAGTCATCTGTTTATTATTCTTTTAAAAGCAAGAGTCTGCTATTTTGGGGTACTCACAAAAGAAATT 525
10 526 ATTACAACCTTTTGAAGACTTGGTTTACCTCCATAGAAGAAATGTGATGGGTCATGCTGTGGAATGGCCAGTGGT 600
601 CATGAGCCGATTTTAAAGTCAATTAGATGAACACATGGGATATTTACAATCAGCTCCTTTGCAGTTGATGAGTAT 675
676 GCAAAATTTAGAAATTTATTGAAGTCACTTTATTAATGGTTCTTACTCGTATTATTGCAATTGTGTTTTTGAAG 750
751 GCAAGAACTCTTACTTTGGCAGATAGGTTGTGTTCTGCTAGAGTATGGTAGTCCAAAAATTAAATCCCTAGCAAT 825
826 TAGCTTTTAAACAGAACTTTTTCAGCTTGGAGGACTACCAGCACAAACAGCTAGCACTTTTTCAGCTCATTTTT 900
15 901 GGAATTATTTAAACACCTTGTAGAAATGGATACTGACCAATTGAAACTCTATGAAGAGCCATTATCAAAGCTGAT 975
976 AAAGACACTATTTCCCTTTGAAGCAGAAGCTTATAGAAATATTGAACCTGTCTATTTAAATATGCTGCTGGAAAA 1050
1051 ACTCTGTGTGATGTTTGAAGACGGTGTGCTCATGCGGCTTAAAGTCTGATTGCTAAAAGCAGCTTTGTGCCATTT 1125
1126 ACTGCAGTATTTCTTAAATTTGTGCCAGCTGGGTATGAATCTGCTTTACAAGTCAGGAAGGTCTATGTGAGAAA 1200
1201 TATTTGTAAAGCTCTTTTGGATGTGCTTGAATTGAGGTAGATGCAGAGTACTTGTGGGCCCACTTTATGCAGC 1275
20 1276 TTTGAAAATGGAAAGTATGGAATCATTGAGGAGATTCAATGCCAAACTCAACAGGAAAACCTCAGCAGTAATAG 1350
1351 TGATGGAATATCACCCAAAGGCGTCTGCTCAGCTCGTCTCTAAACCTTCTAAAAGAGCACCAAAACAGACTGA 1425
1426 GGAATTTAAACATGTGGACATGAACCAAGAGCATATTATGGAGTGCAGTGAACAGAAAGCTGAATCCCTTCA 1500
1501 GATTTCCCTTGAATACAGTGGCCTAAAGAATCCTGTTATTGAGATGTTAGAAGGAATTGCTGTTGTCTTACAAC 1575
1576 GACTGCTCTGTGACTGTTTATTGTTCTCATCAAAACATGAAGTCCGTAATTTCAAGGACTGTCAACATAAATC 1650
25 1651 CAAGAAGAAACCTTCTGTAGTGATACTTGGATGTGATTGTTTACACAAAAGTCTTAAAGAGCTGTAGAAG 1725
1726 TTTGTTAGAATCTGTTAGAACTGGACCTGGAGGCAACCATTTGATAAGGTGGTGAATTTATGATGCTTTGAT 1800
1801 TTATATGCAAGTAAACAGTTCATTGAAGATCATATCCTGGAAGATTTATGTTGATGCTCTCACTTCCATGGAT 1875
1876 TTATCCCATTCTGATGATGGCTGTTTAAAGTTGACCACATTTGCCGCTAATCTTCTAACATTAAGCTGTAGGAT 1950
1951 TTCAGATAGCTATTCACCACAGGCACAATCAGATGTGTGTTCTTCTGACTCTGTTTCAAGAAGAATATTCT 2025
30 2026 TGAGTGGAGAACAGCAGTTTACAACCTGGGCCCTGCAGAGCTCCCATGAAGTAATCCGGGCTAGTTGTGTTAGTGG 2100
2101 ATTTTTTATCTTATTGCAGCAGCAGAATCTTGTAAACAGAGTCCCAAGATCTTATAGATAAAGTCAAAGATGA 2175
2176 TTCTGACATTGTCAAGAAAGAATTTGCTTCTATACTTGGTCAACTTGTCTGACTCTTACGGCATGTTTATCT 2250
2251 GACAAGTCTTTAAACAGAACCTTCTCTGAACACGGACATGTGGACCTCTTCTGTAGGAACCTGAAAGCCACTTC 2325
2326 TCAACATGAATGTTTCTTCACTAAAAGCTTCTGTCTGCAAGCCATTCCTTTTCTACTGAAAAAATAAT 2400
35 2401 ACCTAGTCCAGTAAACCTTGTCTTATAGATAATCTACATCATCTTTGTAAGCATCTTGATTTTAGAGAAGATGA 2475
2476 AACAGATGTAAAGCAGTCTTGGAACTTTATTAATTTAATGGAAGATCCAGACAAAGATGTTAGAGTGGCTTT 2550
2551 TAGTGGAAATATCAAGCACATATTGGAATCCTTGGACTCTGAAGATGGATTTATAAAGGAGCTTTTGTCTTAAG 2625
2626 AATGAAGGAAGCATATACACATGCCCAATATCAAGAAATATGAGCTGAAGGATACCTTGATCTTACAACAGG 2700
2701 GGATATTGGAAGGGCCGAAAAGGAGATTTGGTACCATTTGCACTCTTACACTTATTGCATTGTTTGTATTCAA 2775
40 2776 GTCAGCATCTGTCTCTGGAGCAGCATACACAGAAATAGAGCTCTGGTTGCAGCTAAAAGTGTTAACTGCAAG 2850
2851 TTTTTTCAGCCAGTATAAGAAACCACTGTGTCAGTTTGGTAGAATCCCTTCACTCTAGTCAGATGACAGCACT 2925
2926 TCCGAATACTCCATGCCAGAATGCTGACGTGCGAAAACAGATGTGGCTCACCAGAGAGAAATGGCTTTAAATAC 3000
3001 GTTGTCTGAAATTGCCAACGTTTTCGACTTCTCTGATCTTAATCGTTTTCTTACTAGGACATTACAAGTCTACT 3075

3076 ACCTGATCTTGCTGCCAAAGCAAGCCCTGCAGCTTCTGCTCTCATTGAACTTTAGGAAAAACAATTAAATGTCAA 3150
3151 TCGTAGAGAGATTTTAATAAACAACTTCAAATATATTTTTTCTCATTGGTCTGTTCTGTCCAAAGATGAATT 3225
3226 AGAACGTGCCCTTCATTATCTGAAGAATGAAACAGAAATTGAACTGGGGAGCTGTTGAGACAAGATTTCCAAGG 3300
3301 ATTCGATAATGAATTATTGCTGCGTATTGGAGAACTATCAACAGGTTTTTAATGGTTTGTCAATACTTGCCCTC 3375
5 3376 ATTTGCATCCAGTGATGATCCATATCAGGGCCCCGAGAGATATCATATCACCTGAACTGATGGCTGATTATTACA 3450
3451 ACCCAAATTGTTGGGCATTTTGGCTTTTTTAACATGCAGTTACTGAGCTCTAGTGTGGCATTGAAGATAAGAA 3525
3526 AATGGCCTTGAACAGTTTGATGCTTTGATGAAGTTAATGGGACCCAAACATGTCAGTTCTGTAGGGTGAAGAT 3600
3601 GATGACCACACTGAGAACTGGCCTTCGATTCAAGGATGATTTTCTGAATTGTGTTGCAGAGCTTGGGACTGCTT 3675
3676 TGTTGCTGCTGGATCATGCTTGTCTGGGCTCCCTTCTCAGTCATGTAATAGTAGCTTTGTTACCTCTTATACA 3750
10 3751 CATCCAGCCTAAAGAACTGCAGCTATCTTCCACTACCTCATAATTGAAAACAGGGATGCTGTGCAAGATTTTCT 3825
3826 TCATGAAATATATTTTTTACCTGATCATCCAGAATTAAGGATAAGCCGTTCTCCAGGAATACAGAAAGGA 3900
3901 GACCTCTGAGAGCACTGATCTTCAGACAACCTTCAGCTCTCTATGAAGGCCATTCAACATGAAAATGTCGATGT 3975
3976 TCGTATTATGCTCTTACAAGCTTGAAGGAAACCTTGATATAAAATCAGGAAAACTGATAAAGTATGCAACAGA 4050
4051 CAGTGAAACAGTAGAACCTATTATCTCAGAGTTGGTGACAGTGCTTTTGAAAGGTTGCCAAGATGCAAACTCTCA 4125
15 4126 AGCTCGGTTGCTCTGTGGGGAATGTTTAGGGGAATTGGGGGCGATAGATCCAGGTGATTTCTCAACAAC 4200
4201 TGAAGCTCAAGGAAAAGATTTTACATTTGTGACTGGAGTGAAGATTCAAGCTTGCCTATGGATTATTGATGGA 4275
4276 GCTAACAGAGCTTACCTTGGTATGCTGATAATAGCCGAGCTCAAGATTGAGTGCCTATGCCATTGAGGAGTT 4350
4351 GCTTTCTATTTATGACTGTAGAGAGATGGAGACCAACGGCCAGGTCAACATTTGTGGAGGAGATTTCTGAGCA 4425
4426 TGTTGGGAAATACTAGAACCTCATCTAAATACCAGATACAAGATTCTCAGAACTCAACCGATTGGTCTGGAGT 4500
20 4501 AAAGAAGCAATTTACTTAAGTAAATTTGGGTAGTAACTTTGCAAGTGGTCAAGCTTGGGAGGTTATCTTAT 4575
4576 TACAAAGGTTGACATGATCTTCCAGTAAAATTTTACCTGCTGTAGCATTATGATGAAGCATGATTTCAAAGT 4650
4651 GACCATCTATCTTCTCCACATATTCTGGTGTATGCTTACTGGGTTGTAATCAAGAAGATCAGCAGGAGGTTTA 4725
4726 TGCAGAAATTATGGCAGTTCTAAAGCATGACGATCAGCATACCATAAATACCCAAGACATTGCATCTGATCTGTG 4800
4801 TCAACTCAGTACACAGACTGTGTTCTCCATGCTTGACCATCTCACACAGTGGGCAAGGCACAAATTTGAGGCACT 4875
25 4876 GAAAGCTGAGAAATGTCCACACAGCAAATCAACAGAAATAAGGTAGACTCAATGGTATCTACTGTGGATTATGA 4950
4951 AGACTATCAGAGTGAACCCGTTTTCTAGACCTCATACCCAGGATACTCTGGCAGTAGCTTCTTTCTGCTCCAA 5025
5026 AGCATACACAGAGCTGTAATGCATTTGAATCATTTATTACAGAAAAGCAAAATATTGAGGAACATCTTGG 5100
5101 ATTTTACAGAAATTTGATGCTGCTATGCATGAACCTGATGGAGTGGCCGGAGTCAGTGCAATTAGAAAGGCAGA 5175
5176 ACCATCTCTAAAAGAACAGATCCTTGAACATGAAAGCCTTGGCTTGTGAGGGATGCCACTGCTTGTATGACAG 5250
30 5251 GGCTATTCAGTAGAACCCAGACAGATCATTCATTATCATGGTGTAGTAAAGTCCATGTTAGGTCTTGGTCAGCT 5325
5326 GTCTACTGTTATCACTCAGGTGAATGGAGTGCATGCTAACAGGTCGAGTGGACAGATGAATTAACACGTACAG 5400
5401 AGTGAAGCAGCTTGGAAATGTACAGTGGGATTGGTGGAAAACTATTGGCAGCAGATGGAAAACTACAAAC 5475
5476 ATGGAGTGTGAGCTGGGACAGCTATTATTATCAGCCAAAAAAGAGATATCAGAGCTTTTATGACTCACTGAA 5550
5551 ACTAGTGAGAGCAGAAACAAATGTACCTCTTTGAGCTGCAAGCTTTGAAAGAGGCTCTACCAACGAGGATATGA 5625
35 5626 ATATATTGTGAGATTGCACATGTTATGTGAGTTGGAGCATAGCATCAACCACTTTTCCAGCATTCTCCAGGTGA 5700
5701 CAGTTCTCAAGAAGATTCTCTAAACTGGGTAGCTCGACTAGAAATGACCCAGAAATTCCTACAGAGCCAAGGAGCC 5775
5776 TATCCTGGCTCTCCGGAGGGCTTTACTAAGCCTCAACAAAAGACCAGATTACAATGAAATGTTGGAGAATGCTG 5850
5851 GCTGCAGAGTGCCAGGGTAGCTAGAAAGGCTGGTCACCACCAGACAGCCTACAATGCTCTCCTTAATGCAGGGGA 5925
5926 ATCAGGACTCGCTGAAGTGTACGTGGAAAGGGCAAGTGGCTCTGGTCCAAGGGTGATGTTCAACAGGCACTAAT 6000
40 6001 TGTTCTTCAAAAAGGTGTTGAATTATGTTTTCTGAAAATGAAACCCACCTGAGGGTAAGAATGTTAATCCA 6075
6076 TGGTCGAGCTATGCTACTAGTGGGCCGATTTATGGAAGAAACAGCTAACTTTGAAAGCAATGCAATTATGAAAA 6150
6151 ATATAAGGATGTGACCGCGTCCCTGCCAGAATGGGAGGATGGGCATTTTACCTTGCCAAAGTACTATGACAAAT 6225
6226 GATGCCCATGGTCACAGACAACAAAATGGAAAAAGCAAGGTGATCTCATCCGGTATATAGTTCTTCATTTTGGCAG 6300
6301 ATCTCTACAAATATGGAATCAGTTCATATATCAGTCAATGCCACGAATGTAACTCTATGGCTTGATTATGGTAC 6375
45 6376 AAAGGCATATGAATGGGAAAAAGCTGGCCGCTCCGATCGGTACAAATGAGGAATGATTTGGGTAAAATAACAA 6450
6451 GGTATACAGAGCATACAACTATTTAGCTCCATATCAATTTTTGACTGCTTTTTACAATGATCTCTCGAAT 6525
6526 TTGTCATTCTCAGGATGAAGTTTTGTTGCTTGATGGAATAATAGCCAAAGTATTCTAGCCTATCCTCAACA 6600

- 41 -

6601 AGCAATGTGGATGATGACAGCTGTGTCAAAGTCATCTTATCCCATGGGTGTGAACAGATGCAAGGAAATCCTCAA 6675
 6676 TAAAGCTATTCATATGAAAAATCCTTAGAGAAGTTTGTGGAGATGCAACTCGCTAACAGATAAGCTTCTAGA 6750
 6751 ATTGTGCAATAAACCGGTTGATGGAAGTAGTTCACATTAAGCATGAGCACTCATTTTAAATGCTTAAAAAGCT 6825
 6826 GGTAGAAGAAGCAACATTTAGTGAAATCCTCATTCCTCTACAATCAGTCATGATACCTACACTTCCATCAATTCT 6900
 5 6901 GGGTACCCATGCTAACCATGCTAGCCATGAACATTTCTGACATTGGGCTATATTGCAGGGTTTGATGATAT 6975
 6976 GGTGGAAATTCCTGCTTCTCTCAGAAACCAAAGAAGATTTCTTTAAAGGCTCAGATGGAAAGTTTACATCAT 7050
 7051 GATGTGAAGCCAAAGATGACCTGAGAAAGGATTGTAGACTAATGGAATTCATTCTTGATTAATAAGTGCTT 7125
 7126 AAGAAAAGATGCAGAGTCTCGTAGAAGAGAATTCATATTGGAACATATGCAGTTATTCCACTAAATGATGAATG 7200
 7201 TGGGATTATTGAATGGGTGAACAACACTGCTGGTTTGAGACCTATTCTGACCAAACTATATAAAGAAAAGGGAGT 7275
 10 7276 GTATATGACAGGAAAGAACTTCGCCAGTGTATGCTACCAAGTCAGCAGCTTTATCTGAAAACTCAAAGTATT 7350
 7351 CCGAGAATTTCTCTGCCAGGCATCTCTATTTTTCATGAGTGGTTTCTGAGAACATTCCTGATCCTACATC 7425
 7426 ATGGTACAGTAGTAGATCAGCTTACTGCCGTTCCACTGCAGTAATGTCAATGGTTGTTTATATTCTGGGGCTTGG 7500
 7501 AGACCGTCATGGTGAAATATTCTCTTTGATTCTTTGACTGGTGAATGCGTACATGTAGATTTCAATTGTCTTTT 7575
 7576 CAATAAGGGAGAAACCTTTGAAGTTCAGAAATTTGCCATTTCCCTGACTCATAATATGGTTAATGGAATGGG 7650
 15 7651 TCCTATGGGAACAGAGGGTCTTTTTCGAAGAGCATGTGAAGTTACAATGAGGCTGATGCGTGATCAGCGAGAGCC 7725
 7726 TTTAATGAGTGTCTTAAGACTTTTCTACATGATCCTCTGTGGAATGGAGTAAACCAGTGAAGGGCATTCCAA 7800
 7801 AGCGCCACTGAATGAACTGGAGAAGTTGTCAATGAAAAGGCCAAGACCCATGTTCTTGACATTGAGCAGCGACT 7875
 7876 ACAAGGTGTAATCAAGACTCGAAATAGAGTGACAGGACTGCCGTTATCTATTGAAGGACATGTGCATTACCTTAT 7950
 7951 ACAAGAAGCTACTGATGAAACTTACTATGCCAGATGTATCTTGGTTGACTCCATATATGTGAAATGAAATTAT 8025
 20 8026 GTAAAAGATATGTTAATAATCTAAAGTAATGCATTTGGTATGAATCTGTGGTTGTATCTGTTCAATTCTAAAG 8100
 8101 TACAACATAAATTTACGTTCTCAGCAACTGTTATTTCTCTGATCATTAAATTATATGTAATAATATACATTC 8175
 8176 AGTTATTAAGAAATAAACTGCTTCTTAATAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA 8239

Sequence ID No. 2: ATR protein

1 MGEHGLELASMIPALRELGSATPEEYNTVVOKPROILCQFIDRILTVDNVVAVELVKKTOSQPTSV 66
 25 67 MLLDFIQHIMKSSPLMFVNVSGSHERKGSCIEFSNWIITRLLRIAATPSCHLLHKKICEVICSLFLFKSKSPAI 141
 142 FGVLTKE LLQFEDLVYLHRRNVMGHAVEWPVMSRFLSQLDEHMGYLSAPLOLMSQNLFIETVLLMVLTRI 216
 217 IAI VFRROELLLWQIGCVLLEYGSPKIKSLAISFLTELFOLGGLPAQPASTFFSSFLELLKHLVEMDTDLKLY 291
 292 EEPLSKLIKTLFPFEAEAYRNIEPVYLNMLEKLCVMFEDGVLMLKSDLLKAALCHLLQYFLKFVPAGYESALO 366
 367 VRKVYVRNICKALLDVLGIEVDAEYLLGPLYAALKMESMEIEEIOQOTOQENLSSNSDGISPKRRRLSSSLNPS 441
 30 442 KRAPKOTEEIKHVMNQKSLKWSALKQKAESLOISLEYSGLKNPVIENLEGI AVLQLTALCTVHCSHQNMNCRT 516
 517 FKDCQHKSKKKPSVVITWMSLDFYTKVLKSCRSLLSEVQKLDLEATIDKVKVIYDALIYMQVNSSFEDHILEDLC 591
 592 GMLSLPWIYSHDDGCLKLTTFANLLTLSCRISDSYSPQAQSRCVFLTLFPRRIFLEWRTAVYNWALQSSHEV 666
 667 IRASCVSGFFILLOQONSCNRVPKILIDKVKDDSDIVKKEFASILGOLVCTLHGMFYLTSSLTEPFSEHGHVDLF 741
 742 CRNLKATSOHECSSQLKASVCKPFLFLKKKIPSPVKLAFIDNLHHLCKHLDFREDETDVKAVLGTLLNLMEDP 816
 35 817 DKDVRVAFSGNIKHILESLSDEDFIKELFVLRMKEAYTHAOISRNNEKDITLITGDI GRAAKGDLVPFALLH 891
 892 LLHCLLSKASVSGAAYTEIRALVAAKSVKLOSFSGYKPKICQFLVESLHSSQMTALPNTPCONADVRKODVAH 966
 967 QREMANLTLSEIANVFDPDLNRFLTRTLOVLLPDLAAKASPAASALIRTLGKQLNVNRREILINNFKYIFSHLV 1041
 1042 CSCSKDELERALHYLKNETEIELGSLLRODFQGLHNE LLRIGEHYQOVFNGLSILASRASSDDPYQGPDIISP 1116
 1117 ELMADYLOPKLLGILAFFNMQLSSSVGIEDKKMALNSLMSLMKLMGPKHVSSVRVKMMTTLRGLRFKDDFPEL 1191
 40 1192 CCRAWDCFVRCLDHACGLSLLSHVIVALLPLIHIOPKETAIFHYLIENRDAVQOFLHEIYFLPDHPELKKIKA 1266
 1267 VLQERYKETSESTDLQTLQLSMKAIQHENVVRIHALTSLKETLYKNQEKLIKATDSETVEPIISQLVTVLLK 1341
 1342 GCQDANSOARLLCGECLGELGAIDPGRLDFTTETOGKDFTVTVGEDSSFAYGLLMELTRAYLAYADNSRAQDS 1416
 1417 AAYAIQELLSIYDCREHETNGPGHQLWRRFPEHVREILEPHLNTRYKSSOKSTDWSGVKKPIYLSKLGSNFAEWS 1491
 1492 ASWAGYLITKVRHDLASKIFTCCSIMMKHDFKVIYLLPHILVYVLLGCNQEDQOEYVAEIMAVLKHDOHTINT 1566
 45 1567 ODIASDLQCLSTOTVFSMLDHLTQWARHKFOALKAEKCPHSKSNRHKVDHSHVSTVDYEDYQSVTRFDLIPDITL 1641

- 42 -

1642 AVASFRSKAYTRAVMHFESFITEKKQNIQEHGLGFLQKLYAAMHEPOGVAGVSAIRKAEPSLKEQILEHESLGLLR 1716
1717 DATA CYDRAIQLEPDQIIHYHGVVKSMLGLGQLSTVITQVNGVHANRSEWTDENLYRVEAAWKLSQWDLVENYL 1791
1792 AADGKSTTWSVRLGQLLSAKKRDITAFYDSLKLVRAEQIVPLSAASFERSYORGYEYIVRLHMLCELEHSIXP 1866
1867 LFQHSPGDSSQEDSLNHWARLEMTQNSYRAKEPILALRRALLSLNKRDPYNEMVGEQWLOSARVARKAGHHQTAY 1941
5 1942 NALLNAGESRLAELYVERAKWLWSKGDVHQAIVLQKGVELCFPENETPEGKNMLIHGRAMLLVGRFMEETANF 1016
2017 ESNAIMKKYKDVTAACLPEWEDGHFYLAKEYYDKLMPHVTDNKMEKQGDILIRYIVLHFGRSLOYGNQFIYQSNPRML 2091
2092 TLWLDYGTKAYEWEKAGRSRDRVQMRNDLGKINKVITEHTNYLAPYQFLTAFSQLISRICHSHDEVFVVLMEIIAK 2166
2167 VFLAYPQQAAMMMTAVSKSSYPMRVNRCKEILNKAIHMKKSLEKFVGDAITRLTDKLELCNKPVDGSSSTLSMST 2241
2242 HFKMLKKLVEEATFSEILIPLOSVMIPTLPSILGTHANHASHEPFGHWAYIAGFDDMEILASLQPKKISLKG 2316
10 2317 SDGKFYIMMCKPKDOLRKDCRLMEFNSLINKLRKAESRRRELHIRTAVIPLNDECGIIEWVNNTAGLRPILT 2391
2392 KLYKEKGVYMTGKELRQCMPLKSAALSEKLKVFREFLLPHPPIFHEWFLRTFPDPTSWYSSRSAYCRSTAVMSM 2466
2467 VGYILGLGDRHGENILFDSLGTGCVHVOFNCLFNKGETFEVPEIVPFRLTHNMVNGMGPMGTGLFRRACEVTHR 2541
2542 LMRDQREPLMSVLKTFHDLPLVENS KPVKGHSHKAPLNETGEVYNEKAKTHVLDIEQRLOGVIKTRNRVTGLPLSI 2616
2617 EGHVHYLIQEATDENLLCOMYLGHPTVM 2664

15 Sequence ID No. 3: rad3.seq

1 GGTACCAAGTAAAACTGCTTAGTAAGTATAAAACACAGAAGAATCCGCGATCTAGTGAACCAATGCCCTGCGTA 75
76 TGACGCTCCACTGACGCTATAGTCAATGAGAACTAGGATGTGCGATTATAACTTATCTTTCAATATTTCTTAT 150
151 TATTTATTTAAGAAATAATTGAATTAATACTCATTTCTCTTTTATTAGCGTAAAAAGCTTATTTCTCTCCT 225
226 ACTACCTTTCAACAATAACTTTTTTTTTGTTTATTGACCATTAATCACATCAAAAGTCAAAAAATCAATCA 300
20 301 TTATCAGAAACATCCAGCCTAATTAATCTAAAAGTTAGTTTCTCTGAAAATTCAGTATCACAAAAGCTCGTTA 375
376 ATTAGCATCGCTCGATACTTAGTGACCATGCATCTTCTTTACCTCGTGAGTGGAATCGATTTGATAATCGAT 450
451 TGCCACTTTTCGCATAATTCTATTGAGATATTTTACTTACAATCGTCTTTTATAAATGCTCAAGACTTTGAA 525
526 CGCGCGTGTGCGTTTTAAAAAGGCCTTTTTGAATTGAATCAATGGTTTGATATAGTATGAGCCAAACACGCAA 600
601 AAAGGAAAGCTGGGTCACTCGATCTTTCACCCAGAGGCTTAGATGACAGACAGGCTTTCGGACAGCTTTTGAAAG 675
25 676 AAGTATTAGCATTAGACAAAGAACATGAGTTAGGTAGAAGTAATCTTTACCATCTATGACCTCCGAGCTTGTTG 750
751 AAGTTTTAATTGAAGTTGGTCTTCTAGCTTTTAAACATGATGATTCAAAATCTGAATTTATCTCTCCTAAGATGC 825
826 TAAAGAAGCCCATCTCTCTACAAGCGTTAATGCTAATCTTAAAAAGGTCTCCGACAGTTTTGCGGGAGATTA 900
901 AATCATCTGTTACTCTTTTGATTGGATTTTACCAGGACTATATCATTGTTTGCTGATATTCGTTTTATTAAGT 975
976 TATTTGACTCATTAAAAGAGTTTCATAAGCTAATTTATCAGCTAATCAGTGAAGAGTCATTCCTATGGGACTTAT 1050
30 1051 ATGCTTCGTTTATGCGTTATTGGAATATTATATTACAAACGTTTCTCTATAGTTCTCCAAATCACTAATGCTA 1125
1126 CATTCCCTTACAAGATGCCCTCACCAATTCTCAACATTGCAGAGTATCTCCCAAATTATCCAACCCATCGAG 1200
1201 AGGACAAATTTGATTTACTTATCATTAAATAGAGGAGGCTTGATACATTTTCTTTGAAAGTGCCCATTTTTTG 1275
1276 CACAATGCTCATATTTAAGAAATCCAATTTCTAGTCCACCTCTCTTTACAGCGTGGACTTGGATCAAGCCAT 1350
1351 GTTTTTTAATTTTGTTATTTTATTAACGAATCAGCATCGGAGACTCACAGCTCTTTCTACATTTGCATTAC 1425
35 1426 GTATAGTCCAACTTTATGCTGTTTTCTTGAATTTTATATATCATGGCCTTCCATTTGTGAAAAATCTAAAC 1500
1501 ATATTTTAAATGCTCCATCAACTTAACATTGGGATCATTGAAGAAAATCTATACAGTTGCTAATACTGCTATAT 1575
1576 CTCTTTTTTCTCTCTTTATTTGTTTTACCCAAAATGTAGCTGGTCTATTCTATCTTTTGGGGTTTCTTAC 1650
1651 TTTCTGACTTCAAGGTATTAGAGCAACTTGAACCAGATTCTGATCTCAAAAAGGCAATAATATTATTTAAGTGCA 1725
1726 GATACCAAAGTTCAGAAATAGATCAAACAACCTCCGTGCTTTTGGCGAAATTTGTAAGTAACTTGAAACA 1800
40 1801 CGTTGTTTTCTAACTCTGAATTAACCTTTTTCTTTTACATTTATCTTCTTGGACAATGACTTGTCAAATATTC 1875
1876 TTAAGTGGATTTCCAGAATGGTCATAACATATGTACATTTGCAAAATGGTGATAAACACAACCTTAGATGAAC 1950
1951 CGTCTAATTTAAGCACTTTCTGTAAGTGTAGATTATTATAGCTCTCATAATGTTACAATAAGTGAGGACGACC 2025
2026 TGAAGAACTTCTCTTTAGTTTTGTGTAATCATGTTGCAAGGTGAATGAGAAAAACAAATAGTATTTCCGCACAT 2100
2101 ATGAAGTACATGGTTGTGAAGTTTGAACCTCATTTTGTGTTACTATTTGATGAGCGGTGCGCTTTAAAAATCTCT 2175
45 2176 ATCACGAATGTTTTGTGCATTGCTAAAAATCCCGACATAATTTCTCTCTGTTAAACAATCATTGTTGCTTG 2250

2251 ATGGCTTTTTTCGGTGGAGCCAGCATTGCTCAAACTTAATAAAGAATCAATGTTAAGTTTAAGAGAATTTATTA 2325
2326 TGAAAGCATTAGCCAGTACTTCAAGATGTTTACGTGTTGTTGCTGCAAAAGTTTGGCCATTTTCATTAAGGGAC 2400
2401 CTAATAATCTTGATATAGTTGAATTCACAAGGAAAGTAAAGCCTTGATTTTAAATACGTTGAAAAATTGGCGG 2475
2476 TGGAAAAACAGCTATTTAGAAACGGTCATCTCTTCTGGATCTCCTATCTAGAGTGGTAGAAGAAGAAGAAAT 2550
5 2551 TACATTTTGTACTATTGGAAGTTATATCTTCTGTGATAAACAGCGGAATATTTTATCAAGGCATTGGTCTCAGCG 2625
2626 CTCTGCAACAAATTGCCTCGACGCGTCATATATCCGTTTGGCAATTACTTTCTCCATATTGGCCAACAGTGTCCG 2700
2701 TTGCGATTGTCCAAGGTATGGGTAAAAACCGAACATAGCCAGTTTATTGCTCAGCTTATGAATATTTCCGAGG 2775
2776 GCGATTTTCTTATTGCAACACAGGCGTACACTTTACCATTCCTTGCTACTTACTAAAAACAAAGCGTTAATAGTAC 2850
2851 GTATAGCTGAACTTTCACAAAGTGATGTTGCTACTTTGTGCTTACCAATATGCATAAAATCCTTGCTTGGCTAC 2925
10 2926 TTAACGCGATCATCCTAATTTGGAAGAGAGTGTGATGCTTCTTCTTCACTGGCCACTTCTGATTTTAAAAAAG 3000
3001 TTGATTTAACGCTCTTGTACGCTCTGATCCTATTCTATTACTGTGAGTGTGTACAGCTTTATCAGAATGATG 3075
3076 TTCTCATGAAAAAATTGAAATGCTTTAAGAAAGGTAGCAATGATTGTCTCTCAAGTGGTAAATGACGAAGACT 3150
3151 TGAGCAATAAGGAATTACTTTATGATTTTTTAAATACATTTTGGGTATCTTAGCAGAATTTCTAATATCC 3225
3226 TTAACGACCTGAAAGGAAAGACTTCAATTAATGAAAAGATTAGACAATTGTGGCATTGAAAAATGTTATCTT 3300
15 3301 TATGTGGAGGTGAGTCAAACCTGGATTACCACAGATACTTTCTAATTTACAAAGTGCTTTTCAAAATGAGCACT 3375
3376 TAAGGTTTTATGCAATCAAAGCTTGGTTAGTATTAGCAACCAAGGAGCCGAGTATAGTTCAATTGCTG 3450
3451 GTTTAAGTCTTGTAATTTTACCTCCTTTATCCCTTATTAGAACCAAGAAGCAGAGCTAGTAATTCAAATAT 3525
3526 TTGATTTTATTCTTCTGACACACAAAGTGCTTACAAGGATTAAAGTGGGCTATCCCCACCAGTCTGGATTGAG 3600
3601 CGTGCTTTAGCCTTAAGGCTAAAGAAATATCTGTCTGCTTCAAAATGAAGATTTTACTCTGAGCTTCAAAGTA 3675
20 3676 TAATTAAGTGTTTAACTAACGAAATGAGCCAGTTTGTATTAGGTTTACAAAAATTAGAACTTTTTTTTCAAG 3750
3751 CCAAGGTGGACGAGTTACATGACACATAAATTTGGACATATCCAACGAAGTTCTGGACCAATTACTAAGTGCC 3825
3826 TTTTAGATTGTTGTGTAATAATGCTTCAACAAATATGCAATATCATATCTTGCTGCAAAAAATCTTGGTGAAT 3900
3901 TGGGTGCGATAGATCCAGCCGCGCAAGGCTCAACATATTAATAAGAAACAGTTGTCTTGATAACTTTGAAA 3975
3976 ACGGAGAAGAAAGTTTGAAGTTTATTCTAGATTTTATGCAATCGCAGTTAATCCAGCTTTCTTGTACTACTG 4050
25 4051 ATACTAAAGCACAAGGTTTTCTTGCTATGCTCTGCAAGAGTTTCTAAAGCTTGGTGGATTCAAGTCCGAGTGA 4125
4126 TTAATAAAAAAAGGGACTAAGTGTGTAACAGAACATTGGATGCTTTGCTGATTATCCAAACGTGTGCTTA 4200
4201 TACCATTTTAACTTCCAAGTATCATTTAACACCAATCCCCAAATTTGACATTCGGTACCCTATTATATAAGAAA 4275
4276 ATGTTACTATTCTACTTGGATGCAAGTGTCTTCTTAAATTTGATGGAGTACGCCCCATTGCAAAACGCTGAAA 4350
4351 AAATATTTGGTATTTGTTGCAAGTAGTGAAAGACCAAGAGTTAACATTCCTGTCTTCTTCTTCTTCTTCTTG 4425
30 4426 TTTTAAATGTTATTTTAAACCGAGTCAAGCTGGAAGTTAATAAGTCATTGAAGAAATCCAGCTTGTATTAAATC 4500
4501 AACCGGACCTGATGGATTAAATTCGTGGGGCAACAAAGATACACCTCATTTGTAGATGATTTTAAAGATTG 4575
4576 TGGATTACCTTAACAAATGGCTTCGCATGCGAAAGAAGAGGAATTGGGATAGACGTTCTGCCATTGCAAGGAAAG 4650
4651 AGAACCGTTATATGTCGGTGGAAAGTGCTACCTCTCGAAGATCATGATCTCAAAAGTTGAGTCAATTTCTTCTC 4725
4726 GATTTCTTCAAAAACATTAGGTATGCTCTTTAAATTTGGSATTTATGCTCGTGCAATTGTTTTATTGGGAGC 4800
35 4801 AACACATACGTAATGCTACAGCTCCATATGCAGCTTTAGAGTCCGATTATAGAGTTTTGCAGGAAATATATGCTG 4875
4876 GAATTGATGATCCAGATGAAATCGAAGCAGTGTCTTTAAATTTCCATGATTACTCGTTTGATCAACAACCTCTTT 4950
4951 TACATGAAAAATTCAGGAACATGGGACTCGGCTTTGAGTTGTTACGAAATATTATTCAAAAGGATCCTGAAAAA 5025
5026 AAAAGGCGAAAAATCGGTTTGCTTAACAGCATGCTGCAATCGGGGCATTATGAATCTCTTGTGTTGAGTTAGATT 5100
5101 CTTTTATAATCAATGACAACCACGAGTATTCGAAGATGTTAAATTTGGGTATTGAAGCTTCATGGCGTTCGCTAT 5175
40 5176 CTATTGATTCGTTAAAAAGTGTCTTTCAAAAAGCAACTTGAATCTTTGGAAGCTAAATTTGGGTAGCATATTT 5250
5251 ACCAATACCTACGGAAGGATTCTTTTGTGTAATTGACGGAGCGGCTGCAACCTTGACGTTGATGCTGCTACAG 5325
5326 CAATTGCAACACAGGCGCCCATTCAGCCTATGATTGTTATGATATTTATCTAAGCTGCACGCAATTAATGACT 5400
5401 TTAGTAGGATTGCTGAAACTGACGGAATTTGTTCCGACAATCTTGATATTGTTCTTCGCGCTCGGCTTAGCCAAG 5475
5476 TAGCTCCGTACGGTAAATTCAGCACCAATCTGTCTCACTCACTAGTTGGCTATGAAAAATTTGAAACACGA 5550
45 5551 AGAAAACTGCTGAAATATATCTCGAGATTGCAAGAATATCTGAAAAAATGGTCAATTTCAAAGAGCCTTCAATG 5625
5626 CCATCTCAAAGCAATGGATTTAGATAAACCCGTAGCAACAATAGAGCACGCAATGGTGGTGGCATCAAGGGC 5700
5701 AACATCGTAAAGCTATTTCTGAATTGAATTTTTCGCTTAATAACAACATGTTTGATTGGTTGATGAGCATGAAG 5775

- 44 -

5776 AAAGACCTAAAAATCGTAAAGAACTTTAGGAAATCCACTTAAAGGAAAAGTGTCTTGAAACTTACAAAATGGC 5850
 5851 TCGGAAAAGCTGGCCAACTGGGATTGAAGGATTTGGAGACGTATTATCATAAAGCGGTAGAGATTTACACAGAAT 5925
 5926 GTGAGAATACGCATTATTATCTTGGCCATCATCGAGTTTAAATGTATGAAGAAGAACAAAAGCTCCAGTTAATG 6000
 6001 AACAGAGCGAACGATTTTAAAGTGGTGAGTTAGTAACCTCGCATAATTAACGAATTTGGTCGATCTTTGTACTATG 6075
 5 6076 GTACAAATCATATATATGAAAGTATGCCAAAATTGCTCACACTGTGGCTTGATTTTGGGGCCGAAGAACTTCGCT 6150
 6151 TATCTAAAGATGACGGCGAAAAGTACTTTCTGTAACACATTATCTCTCGAGAAAAAATCTTTGGAACCTTATGA 6225
 6226 ATTCGAATGTTTGTGCGCTTTCTATGAAAATTCCTCAATACTTTTTCTGGTTGCATTATCCCAAATGATATCCA 6300
 6301 GAGTATGCCATCCAAATAATAAGTTTATAAAATTTTGAACATATAATTGCAACGTTGTAGCATCTTATCTCG 6375
 6376 GGGAGACGCTATGGCAATTAATGGCAACAATAAAATCGACTTCTCAAAGCGCTCGCTTCGTGGAAAAAGCATT 6450
 10 6451 TAAATGTTTTACATTCTAGGAAGCTTTCTATGTCTTCCAAAGTTGATATAAAAGCACTCAGTCAATCTGCAATTC 6525
 6526 TCATTACTGAAAAGTTAATCAATTTGTGCAATACAAGGATTAACAGTAAATCTGTAAAAATGAGCTTAAAGGATC 6600
 6601 ATTTTCGGCTTTCTTTTGATGATCCGGTAGATTTAGTCATTCTGCTAAATCATTTTTAGACATTACTTTACCAG 6675
 6676 CTAAGATGCTAACAGAGCTAGTCATTATCCATTTCCAAAACCTCAGCCTACTCTGTTGAAATTTGAGGATGAGG 6750
 6751 TGGATATAATGAACCTCTTCCAAAACCAAGAAAAGTGTACGTTAGAGGTACGGATGGCAACTTATACCCATTCT 6825
 15 6826 TGTGCAAAACCAAGATGATCTTCGTAAGGATGCTAGATTGATGGAATTTAATAATCTTATTTGTAATAATTTGA 6900
 6901 GGAAAGATCAAGAAGCGAAGCAGAAGGAACCTGTGTATTAGAAGTATGTTGTTATTCCTTTAAATGAAGAATGCG 6975
 6976 GATTTATCGAATGGGTAAATCATACTCGTCCATTTAGAGAAATTTTGTAAAAAGCTATAGACAGAAAAACATTC 7050
 7051 CCATATCATATCAAGAAATCAAAGTTGATTTAGACTTTGCACTGCGAAGTCTAACCTGGTGATATATTTGAAA 7125
 7126 AGAAAATCTTACCGAAATTTCTCCAGTTTTTATGAGTGGTTTGTGAATCTTTCCAGAACCAATAATTGGG 7200
 20 7201 TTAGTAGTAGACAAACTATTGCCAACTTTAGCAGTAATGTCAATAGTTGGCTACGTTTGGGTTGGGAGATC 7275
 7276 GCCATGGCGAAAACATATTGTTGATGAATTTACAGGTGAAGCTATCCATGTCGATTTCAACTGTCTTTTGATA 7350
 7351 AAGGTCTTACTTTTGA AAAACCTGAAAAGGTGCCGTTGAGTTAACTCATAATATGGTAGATGCAATGGGTCCGA 7425
 7426 CAGGTTATGAAGGGGTTTTCAGGAAAGCTAGCGAAATACGATGCGGCTTCTCGCTCAAACCAAGATACATTGA 7500
 7501 TGAGCGTACTAGAGTCTTTCTACATGATCCTTTAGTCGAGTGAATAGAAAAGTCTGCAAGCAAGTACCGGA 7575
 25 7576 ATAATGAAGCAATGAAGTTTGGATATAATTCGCAAAAAATTTCAAGGCTTTATGCCAGGGGAGACGATACCTT 7650
 7651 TATCTATTGAAGGGCAAAATCAAGAAATGATCAAATCTGCTGTCAACCCAAAAACCTGGTAGAAATGTACATTG 7725
 7726 GTTGGGCTGCTTATTTTATAGCATTTTACTAACAAAAATTTCAATGAACAAGCTACCCATTATTAACTTATGATT 7800
 7801 TGAATCGAAGATATTTTATTTAATCCGATGAAGAATTTCTCGTGAGTTGTTCAATTTCTTGAATTTTCTT 7875
 7876 CCATTTCTAAATCGTCGATTCGCTTAAATAGGGCACTGGCTTTTGTGCATTTTCTCTCGTAAAGCAGCTTCTG 7950
 30 7951 ATTGAAAAAAGCTATATCTGTTCTGAGTCATCATCCGAATCAACAATATATTTGCAGATCGACCTGCAG 8022

In italics, sequenced by Seaton et al.

In Bold are those bases deleted in Seaton et al. (2499, 22501, 2507, 2509)

Underlined are the two bases either side of a single C insert (5918/5919) in Seaton et al.

(i.e. the incorrect base not shown, but the one residue either side is)

35 Sequence ID No. 4: rad3 protein

1 MSQAKRKAGSLDLSRGLDDROAFGQLLKEVLALDKEHELGRSNLSPSMTSELVEVLIIEVGLLAFKHDDSKSEF 75
 76 ISPKMLKEAHLSQLMLILKRSPTVLEIKSSVTLWDILPRTISLFADIRFIKLFDSLKEFHKLIIYQLISEKS 150
 151 FLWDLYASFMRWYKYITNVSSIQLITNATFPYKMPSPNSQPLQISPNYPPTHREDKFDLLIINIEACTFFFE 225
 226 SAHFFAQCSYLKKSNNFSPPLFTAWTWIKPCFFNFVILLKRISIGDSQLFLHLHSRIVOTLCCFSLNFIYHGLPI 300
 40 301 CEKSKHILMSSINLTGSLKTTYTVANTAISLFFLSLVLPKTVAGLFYFPGVSLLSDFKVLEOLEPDSOLKKA 375
 376 ILFKCRYQSSEIDQTLRAFGICTGKLENTLFSNSELNLLHLYSLDNDLSNLIKVDVFQNGHNICTFAKWCIN 450
 451 NNLDEPSNLKHFREMLDYSSHNVTSIEDDLKNFSLVLCTHVAKVNEKTNSIFRTYEVHGCEVCNSFCLLFDERS 525
 526 PFKIPYHELFCALLKNPDISSSVKQSLLLDGGFRWSQHCNFKESMLSLREFIMKALASTSRCLRVAAYVLP 600

601 IFIKGPNNDIVFHKESKALIFNTLKILAVENTAILLETIVLSWISLSRVVEEELHFLVLEVISSVINSGIFYO 675
676 GIGLSALQQIASTRHISVWQLLSPYWPTVSVAIVOGNGKPNIASLFAQLMNISEGDFLIRTOAYTLPLVLTKN 750
751 KALIVRIAELSOSDVATLCLTNM-KILASLLTTDHPNLEESVHLLSLATSDFEKVDLTSLRSDPISITVELLO 825
826 LYQNDVPHEKIEANLRKVAMIVSOVWNDELSNKELLYDFFNNHILGILAEFSNINLNLKGKTSINEKIKTIVGI 900
5 901 EKMLSLCGGAVKLGLPQILSNLOSASFQNEHLRFYAIKAWFSLILATKEPEYSSIAGLSLVILPPLFPYLEPQEA 975
976 LVIQIFDFISSDTHKCLQGLKWAIPISLDSACFSLKAKEIFCSLONEDFYSELQSIKCLTNENEPVCYLGLOKL 1050
1051 ELFFOAKVDELHDTLNLDISNEVLQDQLRCLLDCCVKYASTNQISYLAAKNLGELGAIDPSRAKAQHIIKETVV 1125
1126 LDNFENGESLKFILDFMQSQLIPAFVLTDTKAQGLAYALQEFLLKGGFKSAVINKKKGLTVYTEHMSLPDL 1200
1201 SKRVLIPFLTISKYHLTPPKIDIRPIYKENVTIHTWQLFSLKLMYAHSONAEKIFGICSKVVKDQEVNIPCF 1275
10 1276 LLPFLVLNVILTESELEVNKVIEEFQLVINQPGPDGLNSVGQORYTSFVDVFFKIVDYLKWLRMKKRNWDRRS 1350
1351 AJARKENRYMSVEDATSRESSISKVESFLSRFPSKTLGIVSLNCGFHARALFYWEQHIRNATAPYAALES DYRVL 1425
1426 QEIYAGIDDPDEIEAVSLNFHDYSFDQQLLLHENSNGTHSALSCEYIIIOKDPENKKAKIGLLNSMLQSGHYESL 1500
1501 VLSLDSFIINDNHEYSKMLNLGIEASHRSLSIDSLKKCLSKSNLESFEAKLGSIFYQYLRKDSFAELTERLOPLY 1575
1576 VDAATAJANTGAHSAYDCYDILSKLHAINDFSRIAETDGIYSDNLDIVLRRRLSQVAPYGGFKHILSTHLVGYE 1650
15 1651 KFENTKKTAIEIYLEIARISRKNGQFORAFNATLKAMDLDKPLATIEHAQWMMHOGORKAISELNFSLNNMFOL 1725
1726 VDEHEERPKNRKETLGNPLKGKVFLLTKWLKGAGOLGLKOLETYHKAVEIYSECENTHYLGHHRVLMYEEEO 1800
1801 KLPVNEQSERFLSGELVTRIINEFGRLYYGTNHIYESMPKLLTLWDFGAELRLSKDGEKYFREHIISRKK 1875
1876 SLELMNSNVCRLSMKIPQYFFLVALSQMISRVCHPNKVKYKILEHIANVVASYPGETLWQLMATIKSTSOKRSL 1950
1951 RGKSILNLVLSRKLMSKSKVDIKALSQSAILITEKLINLCNTRINSKSVKMSLKHFRLSFDDPVDLVIPAKSFL 2025
20 2026 DITLPAKDANRASHYPFPKTOPTLLKFEDEVDMNSLOKPRKVYVRGTDGNLYPFLCKPKDDLKDKARLMEFN 2100
2101 ICKILRKDOEANRRNLICIRTYVVIPLNEECGFIEWVNHTRPFREILLKSYROKNIPISYQEIKVOLDFAIRSPNP 2175
2176 GDIFEKKILPKFPPVYFWEFVESFPEPNWVTSRQNYCRTLAVMSIVGYVLGLGDRHGENILFDEFTGEAIHVD 2250
2251 NCLFDKGLTFEKPEKVPFRLTHNMVDAMGPTGYEGGFRKASEITMRLRSNQDTLMSVLESFLHDLPLVEWNRKKS 2325
2326 SSKYPNNEANEVLDIIRKKFGFMPGETIPLSIEGOIQELIKSAVNPKNLVEMYIGHAAYF 2386